Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 11, No. 2, Summer 2019, p. 207-221

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۱، شماره۲، تابستان ۱۳۹۸، ص. ۲۲۱-۲۰۷

بررسی هم‌خونی و تأثیر آن بر صفات رشد در گوسفند مغانی با استفاده از شجره

رضا بهمرام[1]*- مریم اسرافیلی تازه کند محمدیه[2]

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۹/۳۰
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۱/۲۱

چکیده

برای بررسی هم‌خونی و تأثیر آن بر صفات رشد از اطلاعات شجره ۳۹۴۰۸ رأس گوسفند مغانی که طی سال‌های ۱۳۶۵ تا ۱۳۹۴ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی جمع آوری شده بود، استفاده گردید. برای آماده سازی، ویرایش داده‌ها، برآورد ضریب هم‌خونی و میزان تابعیت صفات از هم‌خونی به ترتیب از نرم افزارهای Fox Pro، Excel، CFC و Wombat استفاده شد. میانگین نسل معادل کامل به عنوان معیاری از کامل بودن شجره ۱/۶۰ بدست آمد. نتایج نشان داد که ۱۶/۶۹ درصد از کل حیوانات، هم‌خون بودند. میانگین ضریب هم‌خونی در کل جمعیت و حیوانات هم‌خون به ترتیب ۰/۵۸ و ۳/۴۷ درصد محاسبه گردید. در مدت سال‌های مورد مطالعه، مقدار هم‌خونی ۰/۰۴۷ درصد در سال افزایش یافت. بالاترین میزان هم‌خونی در گله ۴۴/۶۷ درصد بود. افت ناشی از هم‌خونی به ازای افزایش یک درصد هم‌خونی برای صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۵/۹۴-، ۱۹/۰۳-، ۲۰/۲۳-، ۳۵/۲۶- و ۳۸/۷۴- گرم برآورد شدند، که به غیر از صفات وزن شش ماهگی و یک‌سالگی در بقیه صفات مورد مطالعه تأثیر معنی‌داری نداشت. نتایج این پژوهش نشان داد که اگر چه در این گله طی سال‌های مورد مطالعه بین حیوانات خویشاوند آمیزش‌هایی صورت گرفته بود، لیکن مقدار ضرایب هم‌خونی حیوانات هم‌خون با توجه به تعداد این دام‌ها نشان داد که در این جمعیت آمیزش‌ها هدف‌دار و تا حد زیادی کنترل شده بود.

واژه‌های کلیدی: آمیزش، صفات رشد، گوسفند مغانی، نسل معادل کامل، هم‌خونی.

مقدمه

نژادهای بومی نشخوارکنندگان کوچک در کشورهای در حال توسعه به طور عمده توسط چوپان‌های محلی و تحت سیستم‌های تولیدی کم نهاده نگهداری می‌شوند و بهبود وضع اقتصادی صاحبان گله بستگی به ارتقاء راندمان تولید در این سیستم‌ها دارد (۲۶). بنابراین، اقدامات هماهنگ شیوه‌های مدیریتی و برنامه‌های بهبود ژنتیکی در این نژادها از اهمیت بسزایی برخوردار است (۲۰). این نکته به ویژه در پرورش گوسفند که حیوانات در یک گله به طور خالص و بدون مخلوط کردن جمعیت‌ها با یکدیگر نگهداری می‌شوند و تعداد کمی قوچ در هر جمعیت استفاده می‌شود، مشهود است (۳۱).

گوسفند مغانی با تعداد حدود ۲/۵ میلیون رأس یکی از مهم‌ترین نژادهای گوشتی در میان گوسفندان دنبه‌دار می‌باشد که از نظر اندازه بزرگ بدن، مقاومت در برابر تغییرات آب و هوایی، ظرفیت تولید بره‌های سنگین وزن، سرعت رشد بالا، توانایی سه بار زایش در دو سال، ضریب بره‌دهی بیشتر، تلفات کمتر بره و توان ژنتیکی مناسب جهت تولید گوشت شناخته شده است (۳۷). مرکز اصلی نگهداری و پرورش این نژاد دشت مغان می‌باشد، اما در نواحی مانند مشگین شهر، سراب، اردبیل و حتی استان‌های دیگر وجود دارد. سیستم پرورش این گوسفندان عمدتاً به صورت غیرمتمرکز و از طریق کوچ بین ییلاق و قشلاق مراتع در مناطق کوهستانی و دشت انجام می‌شود (۱۳).

هم‌خونی که منشأ آن آمیزش بین حیوانات خویشاوند می‌باشد با ایجاد جفت ژن‌های مشابه در هر جایگاه ژنی تنوع ژنتیکی را کاهش داده و آثار زیان‌آوری بر بیشتر صفات تولیدی و تولیدمثلی دارد (۳۰). معمولاً میزان هم‌خونی در جمعیت‌های حیوانی بیش از هر چیز تحت تأثیر الگوی آمیزشی قرار دارد و هر چه شانس ایجاد آمیزش‌های نزدیک در جمعیت بیشتر باشد، احتمال بالا رفتن میزان هم‌خونی در آن جمعیت بیشتر است (۱۹).

در پرورش حیوانات مزرعه‌ای به صورت گله‌های بسته و کوچک و در ایستگاه‌های تحقیقاتی، احتمال بروز هم‌خونی و مشکلات ناشی از آن نسبت به گله‌های تجاری بیشتر می‌باشد (۳۵). با وجود این که هم‌خونی می‌تواند ابزار مناسبی برای بهبود ژنتیکی جمعیت‌های گوسفند و بز از طریق افزایش فراوانی ژن‌های مطلوب باشد، اما در صورت عدم کنترل می‌تواند منجر به زیان اقتصادی شود (۵).

۱و۲- استادیار و دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران.
(*- نویسنده مسئول: behmaram.reza@yahoo.com)
DOI: 10.22067/ijasr.v11i2.69585

علت افت ناشی از هم‌خونی را می‌توان به افزایش احتمال جفت شدن ژن‌های نامطلوب مغلوب نسبت داد. با افزایش ضریب هم‌خونی در گله میانگین صفات اقتصادی با وراثت‌پذیری متوسط و کم به شدت کاهش می‌یابد (۲۵). استفاده از تعداد کم افراد برتر ممکن است تنوع ژنتیکی را کاهش دهد. از آنجایی که صفات رشد از اهداف اصلاحی مهم در بیشتر ایستگاه‌های پرورش و اصلاح نژاد گوسفند هستند، برخی از پژوهشگران روند هم‌خونی بعضی از صفات رشد گله‌های موجود در این ایستگاه‌ها را بررسی کرده‌اند (۳ و ۴۲).

برای حفظ ساختار ژنتیکی هر جمعیت و جلوگیری از آثار زیان‌بار هم‌خونی، لازم است اطلاعات حاصل از شجره حیوانات، نوع آمیزش‌ها و خصوصیات ژنتیکی جمعیت جمع آوری و تجزیه و تحلیل گردد (۱۴) و در صورت نیاز، جهت جلوگیری از افت عملکرد ناشی از هم‌خونی به ارائه مناسب پرداخت. این واقعیت مورد توجه بسیاری از محققین در سرتاسر جهان بوده و تلاش آن‌ها بر آن است تا میزان آثار منفی هم‌خونی بر عملکرد حیوانات را تعیین نموده و راه حلی برای غلبه بر آن پیدا کنند (۱۸).

بنابراین، با مطالعه جمعیت گوسفندان در گله‌ها و بررسی روند هم‌خونی در آن‌ها می‌توان تا حدودی به وضعیت ژنتیکی دام‌ها پی برد با توجه به اینکه صفات رشد جزء صفات مهم اقتصادی در پرورش گوسفند به حساب می‌آید و بیشترین در آمد حاصل از پرورش گوسفند مربوط به تولید گوشت می‌باشد، این پژوهش جهت آنالیز شجره، برآورد ضریب هم‌خونی و بررسی تأثیر آن روی صفات رشد گوسفندان مغانی انجام شد.

مواد و روش‌ها

برای محاسبه‌ی ضریب هم‌خونی و بررسی اثرات آن بر صفات رشد گوسفندان مغانی، از اطلاعات شجره و صفات رشد (وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی) موجود در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی استفاده شد. این ایستگاه در ۳۰ کیلومتری جنوب شرقی شهرستان پارس آباد استان اردبیل واقع شده است. در این ایستگاه بره‌های نر و ماده در سن ۱۸ ماهگی آمادگی جفت‌گیری پیدا می‌کنند. قوچها یک‌سال استفاده شده اما میش‌ها بسته به شرایط سلامت و عملکرد تولیدمثلی می‌توانند تا ۶ سال مورد استفاده قرار گیرند. بره‌های نر و ماده از سن ۶ ماهگی به بعد در گله‌های جداگانه نگهداری می‌شوند.

در این پژوهش از تعداد ۶۸۵۹ رکورد وزن تولد، ۴۱۴۵ رکورد وزن شیرگیری، ۲۰۲۸ رکورد وزن شش ماهگی، ۱۳۱۹ رکورد وزن نه ماهگی و ۱۲۳۲ رکورد وزن یک‌سالگی که طی ۳۰ سال (۱۳۶۵ تا ۱۳۹۴) جمع آوری شده بود، استفاده شد. اطلاعات شجره پس از ویرایش اولیه (شامل تصحیح و حذف رکوردهای تکراری مربوط به دوره‌های مختلف تولید یک حیوان و خطا) مورد استفاده قرار گرفت. مشخصات شجره‌ای داده‌های پژوهش حاضر که با استفاده از نرم‌افزار CFC 1.0 (۳۶) بدست آمده در جدول ۱ آورده شده است.

ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم افزار Excel و Microsoft Visual FoxPro 9.0 انجام شد. در طی مرحله ویرایش داده‌ها با توجه به کم بودن تعداد بره‌های سه قلو، رکورد این بره‌ها و رکوردهای دیگری که اطلاعات آن‌ها دقیق یا کامل نبود از فایل داده‌ها حذف شدند.

جدول ۱- اطلاعات مربوط به شجره گوسفندان مغانی

Table 1- Pedigree information of Moghani sheep breed

شرح Description	تعداد Number
تعداد حیوانات کل جمعیت No. of animals in whole population	39408
تعداد حیوانات با والدین معلوم No. of animals with both know parents	19034
ماده Dams	13399
نر Sires	1481
حیوانات بدون نتاج No. of animals with no progeny	24528
حیوانات دارای نتاج No. of animals with progeny	14880
تعداد حیوانات هم‌خون No. of inbred animals	6578
تعداد افراد جمعیت پایه No. of Base population	3492

از کل حیوانات شجره ۹۰/۰۵ درصد ماده و ۹/۹۵ درصد نر بودند. همچنین ۱۰/۴۹ درصد از حیوانات دارای پدر و مادر نامعلوم و ۱۲/۳۰ درصد دارای مادر نامعلوم و ۲۸/۹۱ درصد دارای پدر نامعلوم بودند. تعداد ۳۴۹۲ رأس (۸/۸۶ درصد) حیوان به دلیل نامعلوم بودن والدین آن‌ها که عمدتاً تشکیل دهنده گله اولیه بودند به عنوان جمعیت پایه در نظر گرفته شد.

با استفاده از نرم افزار CFC 1.0 (۳۶) ضرایب هم‌خونی هر حیوان و میانگین ضریب هم‌خونی در کل گله و جمعیت هم‌خون برآورد گردید و گروه‌بندی ضرایب هم‌خونی با استفاده از این نرم افزار انجام شد.

برای تجزیه و تحلیل اثر هم‌خونی بر صفات مورد نظر از نرم افزار Wombat 1.0 (۲۲) و روش حداکثر درستنمایی محدود شده

(REML) با استفاده از مدل‌های حیوانی زیر با در نظر گرفتن ضریب هم‌خونی در مدل به عنوان متغیر کمکی استفاده شد:

مدل ۱		$Y = Xb + Z_a a + e$
مدل ۲		$Y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$
مدل ۳	Cov (a,m)= 0	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$
مدل ٤	Cov(a,m)= $A\sigma_{am}$	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$
مدل ۵	Cov (a,m)= 0	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$
مدل ٦	Cov(a,m)= $A\sigma_{am}$	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$
مدل ۷		$Y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$
مدل ۸		$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$
مدل ۹	Cov (a,m)= 0	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$
مدل ۱۰	Cov (a,m)= $A\sigma_{am}$	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$
مدل ۱۱	Cov (a,m)= 0	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$
مدل ۱۲	Cov (a,m)= $A\sigma_{am}$	$Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$

در این مدل‌ها Y بردار مشاهدات مربوط به صفات رشد، b بردار اثرات عوامل ثابت (شامل سال تولد، جنس، تیپ تولد، سن مادر)، a بردار اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، l بردار اثرات محیطی مشترک و e بردار اثرات باقی مانده است. A ماتریس روابط خویشاوندی، X، Z_a، Z_c، Z_m و Z_l ماتریس‌های طرح هستند که ارتباط اثرات عوامل ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیک افزایشی مادری و محیط مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند. همچنین σ_{am}، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می‌دهد. مناسب‌ترین مدل از رابطه آکائیک به صورت زیر تعیین شد:

$$AIC_i = -2\ Log\ L_i + 2P_i$$

در این رابطه: AIC_i معیار آکائیک، $Log\ L_i$ لگاریتم حداکثر درست نمائی و P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. مدلی که کمترین معیار آکائیک را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد.

فاصله نسلی[1](G.I) به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بره، برای افرادی که تولیدمثل کردند و برای کل افراد محاسبه شد (۲۸). این پارامترها در چهار مسیر پدر-پسر (L_{mm})، پدر-دختر (L_{mf})، مادر-پسر (L_{fm}) و مادر-دختر (L_{ff}) محاسبه و میانگین فاصله نسل کل به صورت میانگین این چهار نسل تعیین شد:

$$G.I = \frac{L_{mm} + L_{mf} + L_{fm} + L_{ff}}{4}$$

کامل بودن شجره با تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم و همچنین تعداد نسل‌های معادل کامل مورد بررسی قرار گرفت. از ساده‌ترین روش‌های بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم می‌باشد که کیفیت شجره را از نظر عمل ثبت مشخصات در گله نشان می‌دهد (۲). برای هر حیوان موجود در شجره معیار تعداد نسل‌های معادل کامل[2](CGE) از طریق فرمول زیر برآورد گردید:

$$CGE_i = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n$$

که در آن n، تعداد نسل‌هایی است که حیوان را از هر والد معلومش جدا می‌کند (۳۴). سپس تعداد نسل‌های معادل کامل گوسفندان متولد شده در هر سال محاسبه گردید. برای بررسی اثر هم‌خونی بر صفات رشد داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS 9.2 تجزیه و تحلیل شدند. مقایسه میانگین صفات رشد در گروه‌های هم‌خون با آزمون دانکن و رویه‌ی GLM (۷) انجام شد.

نتایج و بحث

در این پژوهش ۴۸/۳۰ درصد حیوانات مورد بررسی دارای پدر و مادر معلوم بودند که نسبت به مقادیر ۵۶ و ۸۸ درصد گزارش شده در نژادهای کرمانی و بلوچی (۲ و ۴۱) کمتر بود که نشان دهنده ناقص‌تر بودن شجره جمعیت مورد مطالعه نسبت به نژادهای گزارش شده بود.

آماره‌های توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۲ نشان داده شده است. تعداد رکوردهای صفات رشد مورد مطالعه با افزایش سن سیر نزولی داشت که می‌تواند به علت حذف برخی از بره‌ها یا عدم

1. Generation Interval

2.Complete Generation Equivalent

ثبت رکوردها در سنین بالاتر باشد. ۸۳/۳۱ درصد از جمعیت، ضریب هم‌خونی صفر داشتند. ۱۳/۵۰ درصد از کل جمعیت که معادل ۸۰/۸۹ درصد جمعیت هم‌خون می‌باشد، دارای ضریب هم‌خونی کوچک‌تر از ۵ درصد بودند. در جمعیت مورد مطالعه تنها ۳/۱۹ درصد از کل جمعیت که معادل ۱۹/۱۱ درصد جمعیت هم‌خون بود، ضریب هم-خونی بیشتر از ۵ درصد داشتند.

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات رشد گوسفندان مغانی

Table 2- Descriptive statistics of growth traits in Moghani sheep breed

صفت Trait	وزن تولد Birth weight	وزن شیرگیری Weaning weight	وزن شش ماهگی 6 months weight	وزن نه ماهگی 9 months weight	وزن یک‌سالگی yearling weight
تعداد رکورد No. of records	6859	4145	2028	1319	1232
میانگین (کیلوگرم) Mean (kg)	4.42	21.00	33.12	39.82	65.01
انحراف معیار (کیلوگرم) S.D (kg)	0.79	4.99	5.61	4.30	13.55
ضریب تغییرات (٪) C.V (%)	18	24	17	11	21
حداقل (کیلوگرم) Min (kg)	1.57	8	24	28	30.53
حداکثر (کیلوگرم) Max (kg)	5.67	35	52	53.50	110
F=0	1022	3555	1958	1258	1212
0<F≤5	4739	487	44	45	6
F>5	1098	103	26	16	14

فاصله نسلی در چهار مسیر پدر-پسر، پدر-دختر، مادر-پسر و مادر-دختر به ترتیب ۰/۰۵۳ ± ۳/۱۵، ۰/۰۹۳± ۳/۲۶، ۰/۰۱۵ ± ۳/۴۶ و ۰/۰۳۶ ± ۳/۵۷ سال بدست آمد. میانگین فاصله نسلی مادر-فرزند (۳/۵۱±۰/۰۰۷ سال) نسبت به میانگین فاصله نسلی پدر-فرزند (۳/۲۱±۰/۰۶۴ سال) بیشتر بود که با نتایج گزارش شده در نژادهای مغانی و سنگسری (۲۷ و ۴۰) مطابقت داشت. سن دام‌ها و مدت استفاده از دام‌های نر و ماده برای تولیدمثل و یا به عبارت دیگر سن جایگزینی آن‌ها از عوامل تعیین کننده فاصله نسلی می‌باشند. کوتاه‌تر بودن فاصله نسلی در مسیر پدر-فرزند می‌تواند مربوط به تفاوت در سن جایگزینی نرها و ماده‌ها باشد. به عبارت دیگر احتمال دارد که جایگزینی زودتر افراد نر در گله مورد مطالعه، یکی از دلایل فاصله نسلی کوتاه‌تر در مسیر پدر-فرزند باشد.

میانگین فاصله نسلی ۳/۳۶±۰/۰۶۹ سال برآورد شد که نسبت به مقادیر ۲/۱۵ و ۳/۳۳ سال گزارش شده در نژادهای مهربان و بلوچی (۴۱ و ۴۳) بیشتر بود که ممکن است ناشی از تفاوت‌های بین نژادی و تعداد سال‌های مورد مطالعه باشد. همچنین نسبت به مقادیر ۳/۳۹، ۳/۵۵، ۳/۶، ۳/۹۵، ۴/۱، ۴/۴۸ و ۴/۵ سال گزارش شده در نژادهای ایران بلک، افشاری، ماکویی، سنگسری، مغانی و کرمانی کمتر بود (۲، ۱۲، ۱۶، ۲۶، ۲۷، ۳۹ و ۴۰). به طور کلی با استفاده از افراد جوان‌تر به عنوان والدین نسل آینده می‌توان فاصله نسلی را در جمعیت کاهش داد. در صورت طولانی شدن فاصله نسلی در جمعیت، میزان پیشرفت ژنتیکی صفات در واحد زمان کاهش می‌یابد. از مقایسه فاصله نسلی در گوسفند مغانی با گزارش‌های موجود در پژوهش‌های مختلف مشخص شد که فاصله نسلی این نژاد در محدوده این گزارش‌ها قرار داشت.

جدول ۳ میانگین صفات در گروه‌های مختلف هم‌خونی را نشان می‌دهد. در همه صفات افراد غیرهم‌خون میانگین بیشتری نسبت به افراد هم‌خون داشتند که با نتایج گزارش شده در گوسفند مهربان مطابقت داشت (۴۴). همچنین با نتایج گزارش شده در گوسفندان بلوچی و قره گل تفاوت داشت (۳ و ۱۵) که احتمال دارد در علت آن تعداد رکوردهای متفاوت در پژوهش‌های مورد نظر باشد. برای همه صفات جز وزن تولد، تفاوت بین گروه‌های مختلف هم‌خون معنی‌دار بود ($p<0/05$)، که با نتایج گزارش شده در نژادهای قره گل، مهربان و بلوچی (۳، ۱۵ و۴۴) متفاوت بود که ممکن بود به دلیل تفاوت‌های بین نژادی باشد.

جدول ۳- میانگین صفات رشد در گروه‌های مختلف هم‌خون[۱]

Table 3- Mean growth traits in different inbreeding class of animals[1]

گروه‌های هم‌خون Inbreeding groups	وزن تولد (کیلوگرم) Birth weight (kg)	وزن شیرگیری (کیلوگرم) Weaning weight (kg)	وزن شش ماهگی (کیلوگرم) 6 months weight (kg)	وزن نه ماهگی (کیلوگرم) 9 months weight (kg)	وزن یک‌سالگی (کیلوگرم) yearling weight (kg)
F=0	4.21 ± 0.015^{a}	22.01 ± 0.024^{a}	33.91 ± 0.082^{a}	40.08 ± 0.033^{a}	65.54 ± 0.027^{a}
0<F<5	4.11 ± 0.011^{a}	20.83 ± 0.038^{b}	32.39 ± 0.031^{c}	39.86 ± 0.047^{b}	64.25 ± 0.013^{c}
F>5	4.12 ± 0.044^{a}	20.94 ± 0.014^{b}	33.06 ± 0.054^{b}	39.52 ± 0.046^{c}	65.24 ± 0.054^{b}

[۱]میانگین‌های هر ستون با حروف غیرمشترک دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<0.05).

[1]Means within same column with different supercripts differ (P<0.05).

در همه صفات مورد بررسی میانگین صفات جنس نر بیشتر از ماده بود که با نتایج گزارش شده مطابقت داشت (۱۵ و ۴۴). علت معنی‌دار شدن اثر جنس بر صفات مورد مطالعه، می‌تواند ناشی از تفاوت‌های فیزیولوژیکی دو جنس، اثر هورمون‌های جنسی و وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین دام‌های نر و ماده باشد که سبب رشد سریع‌تر حیوانات نر می‌شود. جدول ۴ میانگین صفات در گروه‌های هم‌خون را بر اساس جنس نشان می‌دهد. تفاوت میانگین صفات در گروه‌های هم‌خون در جنس ماده به جز وزن یک‌سالگی معنی‌دار بود (p<۰/۰۵)، که با نتایج گزارش شده در نژادهای مهربان و بلوچی (۱۵ و ۴۴) متفاوت بود. در جنس نر میانگین صفات در گروه‌های هم‌خون معنی-دار بود که با نتایج گزارش شده در پژوهش‌های مشابه مطابقت داشت (۱۵ و ۴۴). نتایج حاصل نشان داد که اثر هم‌خونی بر صفات رشد متناسب با سن و جنس حیوان تغییر می‌کند. بنابراین، میزان کاهش عملکرد در هر یک از دو جنس در هر مقطع زمانی (به جز وزن یک-سالگی در ماده‌ها) متفاوت خواهد بود.

جدول ٤- میانگین صفات رشد در گروه‌های هم‌خون بر اساس جنس[۱]

Table 4- Mean growth traits in different inbreeding class of animals by the six[1]

جنس Sex	گروه‌های هم‌خون Inbreeding groups	وزن تولد (کیلوگرم) Birth weight (kg)	وزن شیرگیری (کیلوگرم) Weaning weight (kg)	وزن شش ماهگی (کیلوگرم) 6 months weight (kg)	وزن نه ماهگی (کیلوگرم) 9 months weight (kg)	وزن یک‌سالگی (کیلوگرم) yearling weight (kg)
ماده Female	F=0	4.20 ± 0.068^{a}	21.67 ± 0.079^{a}	33.61 ± 0.063^{a}	39.69 ± 0.071^{b}	65.07 ± 0.041^{a}
	0<F<5	4.09 ± 0.083^{ab}	21.05 ± 0.028^{b}	32.94 ± 0.047^{b}	39.95 ± 0.009^{a}	64.94 ± 0.039^{a}
	F>5	4.13 ± 0.034^{b}	21.06 ± 0.031^{b}	32.81 ± 0.013^{b}	39.82 ± 0.062^{ab}	65.00 ± 0.055^{a}
نر Male	F=0	4.35 ± 0.057^{a}	22.28 ± 0.064^{a}	33.92 ± 0.059^{b}	40.54 ± 0.086^{b}	65.12 ± 0.035^{a}
	0<F<5	4.30 ± 0.043^{a}	21.42 ± 0.048^{b}	30.51 ± 0.037^{c}	40.92 ± 0.061^{a}	64.88 ± 0.004^{b}
	F>5	3.77 ± 0.008^{b}	20.08 ± 0.036^{c}	34.93 ± 0.025^{a}	38.00 ± 0.008^{c}	65.04 ± 0.037^{ab}

[۱]میانگین‌های هر ستون با حروف غیرمشترک دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<0.05).

[1]Means within same column with different supercripts differ (P<0.05).

جدول ۵ میانگین صفات در گروه‌های هم‌خون را بر اساس تیپ تولد نشان می‌دهد، در همه صفات میانگین تیپ تولد تک قلو بیشتر از تیپ دو قلو بود که با نتایج گزارش شده در نژاد بلوچی مطابقت داشت (۱۵). همچنین با نتایج گزارش شده در گوسفند مهربان متفاوت بود (۴۴). بیشتر بودن میانگین صفات رشد مورد مطالعه در بره‌های تک قلو نسبت به دو قلو را می‌توان مربوط به بهره‌گیری بیشتر بره‌های تک قلو نسبت به دو قلو از قابلیت‌های مادری مانند میزان انرژی، مواد غذایی، فضای رحمی و شیر تولیدی دانست. بنابراین تقسیم امکانات و قابلیت‌های مادری در، قبل و بعد از تولد باعث کاهش میانگین صفات رشد برای بره‌های دو قلو شده بود.

هم‌خونی اثر معنی‌داری در میانگین صفات بره‌های تک قلو و دو قلو به جز صفت شش ماهگی داشت (p<۰/۰۵) که با نتایج گزارش شده در نژادهای مهربان و بلوچی (۱۵ و ۴۴) مغایر بود. تفاوت بین نتایج پژوهش حاضر و سایر گزارشات می‌تواند به دلیل اختلاف در اندازه جمعیت و میزان هم‌خونی متفاوت در گله‌های مختلف باشد.

جدول ۵- میانگین صفات در گروه‌های هم‌خون بر اساس تیپ تولد[1]

Table 5- Mean growth traits in different inbreeding class of animals by birth type[1]

تیپ تولد Birth type	گروه‌های هم‌خون Inbreeding groups	وزن تولد (کیلوگرم) Birth weight (kg)	وزن شیرگیری (کیلوگرم) Weaning weight (kg)	وزن شش ماهگی (کیلوگرم) 6 months weight (kg)	وزن نه ماهگی (کیلوگرم) 9 months weight (kg)	وزن یک‌سالگی (کیلوگرم) yearling weight (kg)
	F=0	4.30 ± 0.036^{a}	21.64 ± 0.052^{a}	33.18 ± 0.035^{a}	40.11 ± 0.096^{a}	65.54 ± 0.008^{a}
تک قلو	0<F<5	4.00 ± 0.017^{b}	21.02 ± 0.007^{b}	33.04 ± 0.067^{a}	39.73 ± 0.074^{b}	64.56 ± 0.042^{c}
Single	F>5	4.12 ± 0.074^{ab}	21.12 ± 0.049^{b}	33.14 ± 0.015^{a}	39.62 ± 0.034^{b}	64.93 ± 0.080^{b}
	F=0	4.29 ± 0.053^{a}	21.53 ± 0.021^{a}	33.13 ± 0.021^{a}	39.99 ± 0.004^{a}	65.09 ± 0.087^{a}
دو قلو	0<F<5	4.14 ± 0.033^{ab}	21.25 ± 0.083^{b}	33.12 ± 0.003^{a}	39.62 ± 0.056^{b}	64.87 ± 0.051^{b}
Twine	F>5	3.99 ± 0.018^{b}	20.99 ± 0.068^{c}	33.11 ± 0.017^{a}	39.85 ± 0.064^{ab}	64.96 ± 0.085^{ab}

[1] میانگین‌های هر ستون با حروف غیرمشترک دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<0.05).

[1] Means within same column with different supercripts differ (P<0.05).

میانگین ضریب هم‌خونی کل جمعیت ۰/۵۸ درصد برآورد گردید. از تعداد ۳۹۴۰۸ رأس حیوان موجود در شجره، تنها ۶۵۷۸ رأس (۱۶/۶۹ درصد) هم‌خون بودند. با توجه به این که ۸۳/۳۱ درصد حیوانات غیرهم‌خون بودند، می‌توان نتیجه گرفت که تعداد آمیزش‌های خویشاوندی بسیار نزدیک در کل جمعیت تقریباً زیاد نبوده است یا این که به شدت از آمیزش‌های خویشاوندی نزدیک جلوگیری شده است.

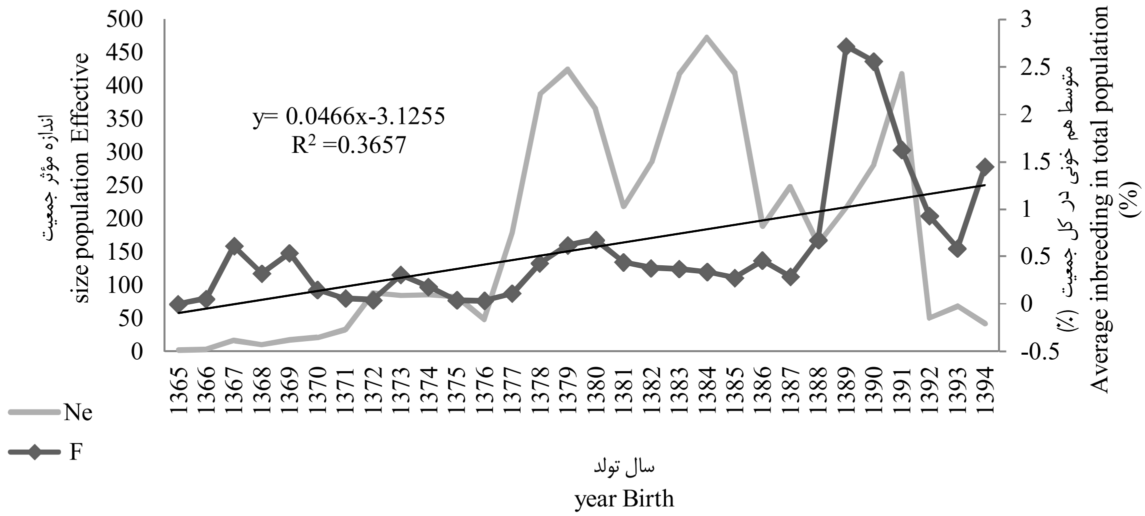
میانگین ضریب هم‌خونی در این پژوهش، در دامنه نتایج گزارش شده برای این نژاد در پژوهش‌های دیگر بود. به طور مثال میانگین ضریب هم‌خونی نژاد مغانی (۶، ۱۴ و ۲۷) به ترتیب ۰/۵۱، ۰/۵ و ۰/۴ درصد گزارش شده بود. متوسط ضریب هم‌خونی این مطالعه نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۶۶، ۱/۵۲، ۱/۶۰، ۱/۹۵ و ۳/۱۷ درصد (۱، ۱۰، ۱۵، ۳۸ و ۳۹) در نژاد بلوچی کمتر بود که می‌توان مهم‌ترین علت آن را به تفاوت در ساختار جمعیت مورد مطالعه، اندازه جمعیت، سامانه‌های رکوردگیری و مدیریتی و دلایل دیگری مانند تعداد رکوردها مربوط دانست.

میانگین ضریب هم‌خونی بدست آمده در این گله نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۲۵، ۰/۲۸ و ۰/۳۳۲ درصد در نژادهای ماکویی، سنگسری و بومی لرستان بیشتر بود (۱، ۱۶ و ۲۴) که احتمال دارد ناشی از بیشتر بودن شاخص کامل بودن شجره و انجام آمیزش خویشاوندی در این گله باشد. همچنین نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۶۹، ۰/۹، ۰/۹۴، ۱/۲۲، ۱/۵۹، ۲/۳۳، ۴/۵۹ و ۷/۷۸ درصد در نژادهای زندی، لری بختیاری، قره گل، سانتا و ایران بلک کمتر بود (۱، ۵، ۲۳، ۲۹، ۳۲، ۳۴ و ۴۳) که می‌تواند به دلیل ناقص بودن شجره مورد استفاده (به علت وجود جمعیت پایه) و نامعلوم بودن تعدادی از اجداد مشترک و نوسانات مدیریتی، ممکن است میزان هم‌خونی برآورد شده کمتر از میزان واقعی آن باشد که این موضوع می‌تواند با روش محاسبه بر اساس شجره در ارتباط باشد (۴۳).

تفاوت در میانگین هم‌خونی را می‌توان به اندازه جمعیت و تعداد نسل‌های معادل نسبت داد، طوری که هر چه تعداد نسل‌های معادل کامل بیشتر باشد، احتمال یافتن جد مشترک بیشتر و برآورد میزان هم‌خونی دقیق‌تر می‌شود. با توجه به بیشترین مقدار هم‌خونی (۴۴/۶۷ درصد) می‌توان نتیجه گرفت که در جمعیت مورد مطالعه، آمیزش‌های بسیار نزدیک وجود داشته است ولی تعداد آن‌ها با توجه به مقدار پایین میانگین ضریب هم‌خونی کل جمعیت، کم بود.

اندازه مؤثر جمعیت نشان دهنده حداقل تعداد اجداد لازم برای تشریح تنوع ژنتیکی جمعیت کنونی بوده که سهم زیادی در ایجاد این جمعیت دارد. هم‌خونی ارتباط مستقیمی با اندازه مؤثر جمعیت و تنوع ژنتیکی جمعیت دارد، به طوری که افزایش هم‌خونی در یک جمعیت می‌تواند نشان دهنده کاهش اندازه مؤثر جمعیت و در نتیجه کاهش تنوع ژنتیکی باشد (۳۸). میانگین اندازه مؤثر جمعیت مورد مطالعه ۱۷۷/۷۳ رأس برآورد شد که نسبت به مقادیر گزارش شده ۵۰، ۷۱، ۹۵، ۱۲۲، ۱۳۴ و ۱۶۶ رأس در نژادهای افشاری، زندی، سنگسری، فین شیپ و بلوچی (۱۱، ۱۲، ۱۵، ۲۱، ۴۰ و ۴۱) بیشتر و نسبت به مقادیر گزارش شده ۲۱۶، ۲۷۶ و ۲۸۴ رأس در نژادهای ماکویی، مغانی و کرمانی (۲، ۲۷ و ۳۹) کمتر بود، که ممکن است دلیل این تفاوت‌ها ناشی از مشارکت نابرابر حیوانات مولد در تشکیل خزانه ژنی جمعیت مورد مطالعه باشد.

با کاهش اندازه مؤثر جمعیت میزان هم‌خونی افزایش می‌یابد. شکل ۱ روند تغییر هم‌خونی کل جمعیت و اندازه مؤثر جمعیت طی سال‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد، که با نتایج گزارش شده در نژادهای سانتا و بلوچی مطابقت داشت (۱۵ و۳۲).



شکل ۱- روند تغییرات هم‌خونی کل جمعیت و اندازه مؤثر جمعیت به تفکیک سال

Figure 1- Trend of inbreeding in total population and effective population size by birth year

در بررسی روند هم‌خونی در کل جمعیت چندین مرحله قابل توجه است. مرحله اول بین سال‌های ۱۳۶۷ تا ۱۳۶۹ بود که طی این سال‌ها شجره نوسانات افزایشی و کاهشی نشان داد که می‌تواند به دلیل عدم ثبت دقیق رکوردها، نامعلوم بودن اجداد مشترک در حیوانات شجره طی این سال‌ها باشد. مرحله دوم بین سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۷۳ بود که روندی افزایشی داشت که نشان دهنده بالا بودن تلاقی‌های خویشاوندان طی این سال‌ها می‌باشد. مرحله سوم بین سال‌های ۱۳۷۸ تا ۱۳۸۲ بود که روندی افزایشی و کاهشی داشت که دلیل این نوسانات را می‌توان مربوط به نسبت قوچ مولد به میش مولد، درصد جابه‌جایی قوچ‌ها در گله، سطح تکامل شجره والدین استفاده شده، تغییر تعداد گوسفندان مرکز و اعمال مدیریت متفاوت طی این سال‌ها دانست.

مرحله چهارم بین سال‌های ۱۳۸۸ تا ۱۳۹۰ بود که روندی افزایشی داشت و مشخص کننده این موضوع می‌باشد که حیوانات متولد شده حاصل آمیزش‌های نزدیک دارای رابطه خویشاوندی می‌باشند. اگر چه در این دوره تعداد حیوانات نسبتاً افزایش یافته ولی افزایش چشمگیری در تعداد حیوانات هم‌خون وجود نداشت و این باعث کاهش میانگین هم‌خونی در سال‌های ۱۳۹۰ تا ۱۳۹۳ شده است. مرحله پنجم بین سال ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۴ بود که روند افزایش داشت که به دلیل کاهش تعداد کل حیوانات غیرهم‌خون و افزایش تعداد حیوانات هم‌خون بود.

روند هم‌خونی در طول سال‌های مورد بررسی مثبت و صعودی بود. در بررسی روند هم‌خونی در کل جمعیت باید توجه داشت که تعداد حیوانات غیرهم‌خون در هر سال بر میزان هم‌خونی تأثیر می‌گذارد لذا ممکن است، در یک سال تعداد حیوانات غیرهم‌خون بیشتر شود که در این صورت میزان هم‌خونی کاهش می‌یابد و اگر در یک سال تعداد حیوانات هم‌خون افزایش و تعداد حیوانات غیرهم‌خون کاهش یابد، ممکن است میزان هم‌خونی افزایش یابد (۴۳).

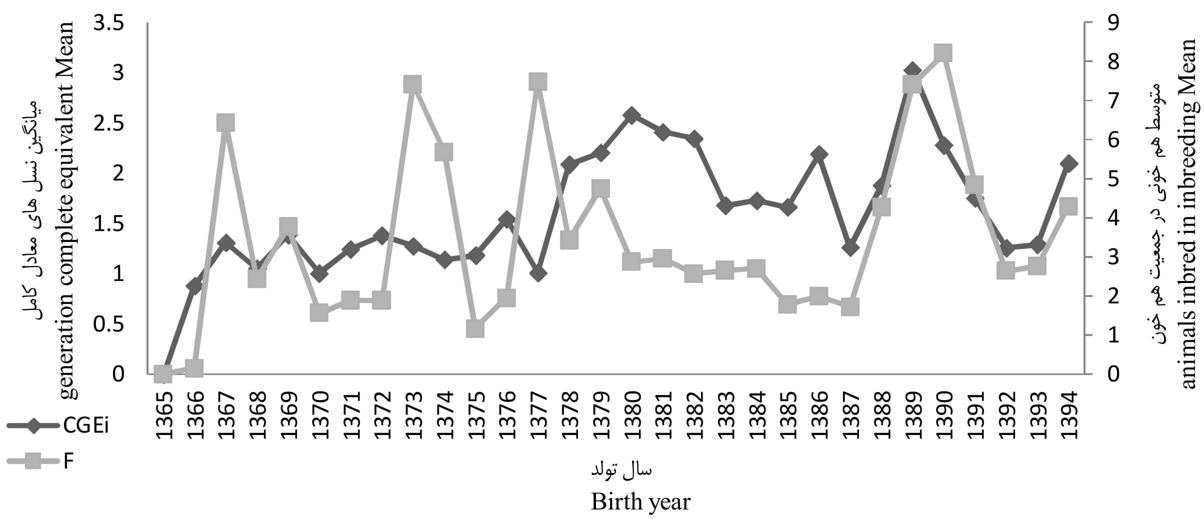
میزان افزایش هم‌خونی ۰/۰۴۷ درصد در سال محاسبه شد که معنی‌دار نبود ($p>0/05$). میزان روند هم‌خونی بدست آمده در این پژوهش نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۰۱، ۰/۰۲، ۰/۰۲۷، ۰/۰۲۸ و ۰/۰۳۵ درصد در سال در نژادهای ماکویی، زندی، مغانی، سنگسری و بلوچی (۱، ۱۴ و ۲۴) بیشتر بود که احتمال دارد به دلیل استفاده از اطلاعات سال‌های بیشتر در این جمعیت باشد.

روند هم‌خونی برآورد شده در این مطالعه نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۰۹۸، ۰/۱۱۷، ۰/۱۵، ۰/۲۰ و ۰/۲۱ درصد در سال در نژادهای لری بختیاری، بلوچی، ایران بلک و بومی لرستان (۱۰، ۲۹، ۳۳، ۳۸ و ۴۳) کمتر بود که، مربوط به تفاوت نژادها از نظر سطح تکامل شجره، سیستم آمیزشی و میزان کنترل جفت‌گیری‌ها باشد.

میانگین ضریب هم‌خونی جمعیت هم‌خون ۳/۴۷ درصد محاسبه شد که نسبت به مقادیر گزارش شده ۱/۷، ۱/۷۴، ۲/۰۶۲، ۲/۲۴ و ۲/۴ درصد در نژادهای زندی، مغانی، بومی لرستان، مهربان و لری بختیاری بیشتر بود (۱۴، ۲۳، ۳۳، ۴۳ و ۴۴) که ممکن است به علت آمیزش حیوانات هم‌خون و افزایش آمیزش‌های نزدیک در گله باشد. همچنین تعداد کمی از حیوانات در این گله هم‌خونی بالایی داشتند که نشان دهنده عدم شناخت خویشاوندان نزدیک در انجام آمیزش‌ها در جمعیت می‌باشد. از طرفی دیگر، این موضوع می‌تواند نشانگر

فقدان استفاده از برنامه‌های آمیزشی طراحی شده برای جلوگیری از میزان بالای هم‌خونی در گوسفند مغانی باشد.

متوسط ضریب هم‌خونی جمعیت هم‌خون برآورد شده در این بررسی، نسبت به مقادیر گزارش شده ۳/۶۱، ۳/۷۷، ۴/۶۱، ۴/۸۶ و ۹/۳۳ درصد در نژادهای زندی، بلوچی، ماکویی و ایران بلک (۱، ۱۶ و ۲۹) کمتر بود که احتمال می‌رود به دلیل تفاوت‌های نژادی، عدم ثبت دقیق رکوردها، نامعلوم بودن اجداد مشترک شجره گله مورد بررسی و کم بودن تعداد افراد هم‌خون باشد. کیفیت برآورد مقدار هم‌خونی به دو عامل اصلی عمق و تکمیل بودن شجره و شدت انتخاب بستگی دارد. اغلب شدت انتخاب با استفاده از فناوری‌های تولیدمثلی متمرکز بر دام‌های برتر و روش‌های پیشرفته ارزیابی ژنتیکی افزایش می‌یابد. سطح بالای هم‌خونی مشاهده شده برای برخی جمعیت‌ها ممکن است ناشی از تعداد کم حیوانات جمعیت پایه باشد (۴).



شکل ۲-روند تغییرات هم‌خونی جمعیت هم‌خون و تعداد نسل‌های معادل کامل به تفکیک سال

Figure 2- Trend of inbreeding in inbred animals and mean equivalent complete generations by birth year

شکل ۲ روند تغییرات هم‌خونی در جمعیت هم‌خون و تعداد نسل‌های معادل کامل را نشان می‌دهد. میزان تکامل شجره تأثیر مستقیمی در برآورد ضریب هم‌خونی جمعیت دارد، زیرا با افزایش سطح تکامل شجره احتمال یافتن جد مشترک برای افراد نسل حاضر بیشتر می‌شود (۸). روند تغییرات CGE در این سال‌ها با روند تغییرات هم‌خونی مطابقت زیادی داشت. در طی سال‌های مورد مطالعه نوسانات هم‌خونی کمتر شد و سطح تکامل شجره حیواناتی که در این سال‌ها به عنوان والدین استفاده شدند افزایش مجدد یافت. این موضوع می‌تواند از دلایل احتمالی تطابق روند تغییرات CGE با روند نوسانات هم‌خونی به میزان زیاد باشد. روند تغییرات هم‌خونی در جمعیت هم‌خون و تعداد نسل‌های معادل کامل پژوهش حاضر، با روند گزارش شده در پژوهشی (۲۷) متفاوت بود، که می‌تواند به علت تفاوت در تعداد رکوردها و سال‌های مورد بررسی باشد.

با مطالعه جمعیت مورد بررسی از نسل کنونی به طرف نسل‌های ابتدایی، روند کاهشی در تعداد حیوانات مشاهده گردید. از دلایل این شیب کاهشی می‌توان به تعداد حیوانات با والدین معلوم بیشتر در نسل کنونی اشاره کرد، طوری که در سال‌های انتهایی ۸۷/۹۵ درصد حیوانات دارای والدین معلوم بودند، ولی در سال‌هایی ابتدایی، بیشتر حیوانات دارای یک یا دو والد نامعلوم بودند.

میانگین نسل معادل کامل در این پژوهش ۱/۶۰ بدست آمد که نسبت به مقادیر ۲/۲۲، ۲/۴۹، ۳/۱۵، ۵/۴۷ و ۷/۱ گزارش شده در نژادهای کرمانی، بلوچی، زندی و ایران بلک (۱۱، ۱۵، ۲۶، ۳۹ و ۴۱) کمتر بود. مقدار پایین نسل معادل کامل در این پژوهش نشان دهنده‌ی ناقص بودن شجره و عمق کم شجره مورد بررسی بود که به دلیل کوچک بودن اندازه مؤثر جمعیت کاهش تنوع ژنتیکی قابل انتظار بود (۱۷).

مدل مناسب برای برآورد اثر هم‌خونی بر صفات مورد مطالعه و نتایج مربوط به آزمون معیار آکائیک (AIC) برای تعیین مناسب‌ترین مدل بدون در نظر گرفتن هم‌خونی در مدل و با در نظر گرفتن هم‌خونی در جداول ۶ و ۷ نشان داده شده است. مدلی که کمترین معیار آکائیک را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد. این معیار نشان می‌دهد که استفاده از یک مدل آماری به چه میزان باعث از

دست رفتن اطلاعات می‌شود. به عبارت دیگر، این معیار تعادلی میان دقت مدل و پیچیدگی آن برقرار می‌کند (۹).

جدول ٦- معیار آکائیک برای صفات بدون در نظر گرفتن هم‌خونی در مدل

Table 6- AIC values for traits without considering the inbreeding in model

مدل Model	وزن تولد Birth weight	وزن شیرگیری Weaning weight	وزن شش ماهگی 6 months weight	وزن نه ماهگی 9 months weight	وزن یک‌سالگی yearling weight
1	72559.241	-62055.256	-12599.366	-9741.256	-5040.781
2	72565.751	-62049.613	-12600.312	-9739.004	-5039.185
3	72499.123	-62050.781	-12600.987	-9738.751	-5048.856
4	72558.785	-62050.885	-12601.154	-9740.152	-5050.785
5	72550.265	-62053.451	-12608.112	-9743.254	-5050.998
6	72551.312	-62053.875	-12611.345	-9750.015	-5051.452
7	72551.012	-62054.654	-12624.456	-9750.998	-5076.722
8	72552.562	-62055.754	-12630.182	-9760.410	-5079.562
9	72478.155	-62057.325	-12624.895	-9752.452	-5089.623
10	72500.025	-62058.954	-12654.452	-9765.574	-5087.456
11	72501.514	-62059.635	-12659.018	-9766.014	-5098.785
12	72498.652	-62060.879	-12660.580	-9769.874	-5078.256

جدول ۷- معیار آکائیک برای صفات با در نظر گرفتن هم‌خونی در مدل (مناسب‌ترین مدل پررنگ نوشته شده است)

Table 7- AIC values for traits considering the inbreeding in model (best model is bold)

مدل Model	وزن تولد Birth weight	وزن شیرگیری Weaning weight	وزن شش ماهگی 6 months weight	وزن نه ماهگی 9 months weight	وزن یک‌سالگی yearling weight
1	72399.620	-62163.322	-12604.726	-9843.185	-5224.961
2	72399.919	-62161.316	-12602.704	-9841.180	-5222.955
3	72139.931	-62163.317	-12604.734	-9841.003	-5229.818
4	72460.743	-62168.203	-12611.960	-9839.142	-5223.145
5	72147.162	-62170.820	-12643.382	-9838.961	-5225.541
6	72138.930	-62174.185	-12647.135	-9838.992	-5301.743
7	72137.930	-62180.313	-12649.014	-9842.553	-5303.640
8	72423.061	-62184.417	-12651.003	-9843.541	-5307.842
9	72458.743	-62181.085	-12687.514	-9848.069	-5310.582
10	72425.061	-62166.852	-12691.391	-9847.132	-5311.013
11	72310.003	-62167.132	-12690.503	-9847.034	-5311.117
12	72308.002	-62169.145	-12691.130	-9848.017	-5311.987

جدول ۸ میزان تابعیت صفات از هم‌خونی را نشان می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود، به ازای افزایش یک درصد هم‌خونی در گله صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک-سالگی به ترتیب ۵/۹۴، ۱۹/۰۳، ۲۰/۲۳، ۳۵/۲۶ و ۳۸/۷۴ گرم کاهش یافت که به جز صفات وزن شش ماهگی و یک‌سالگی در بقیه صفات مورد مطالعه تأثیر معنی‌داری نداشت (p>۰/۰۵). تأثیر غیرمعنی‌دار هم‌خونی بر صفات وزن تولد، شیرگیری و نه ماهگی می‌تواند ناشی از سطح پایین هم‌خونی در گله و کمتر بودن میزان غالبیت در مکان‌های ژنی کنترل کننده این صفات باشد (۲۴).

جدول ۸- ضریب تابعیت صفات به ازای یک درصد افزایش هم‌خونی

Table 8- Regression coefficient traits for a 1 % increase in inbreeding

صفات Traits	میانگین (کیلوگرم) Mean (kg)	ضریب تابعیت (گرم) Regression coefficient (gr)
وزن تولد Birth weight	4.42	-5.94
وزن شیرگیری Weaning weight	21.00	-19.03
وزن شش ماهگی 6 months weight	33.12	-20.23
وزن نه ماهگی 9 months weight	39.82	-35.26
وزن یکسالگی yearling weight	65.01	-38.74

میزان افت ناشی از هم‌خونی بدست آمده برای صفت وزن تولد نسبت به مقادیر گزارش شده ۰/۵ گرم در نژاد لری بختیاری، ۴ گرم در نژادهای مغانی، بومی لرستان و دورمر، ۱/۴۶ گرم در نژاد سنگسری و ۵ گرم در نژاد قره گل (۳، ۱۴، ۲۴، ۳۳، ۴۲ و ۴۳) بیشتر و نسبت به مقادیر گزارش شده ۶/۳۴ و ۱۷ گرم در نژاد مهربان و مغانی (۶ و ۴۴) کمتر بود که دلیل این تفاوت‌ها ممکن است ناشی از تفاوت اثر هم‌خونی بر صفت مورد بررسی به دلیل تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه، مکان پرورش دام‌ها و مدیریت گله باشد.

برای صفت وزن شیرگیری میزان افت ناشی از هم‌خونی برآورد شده در مقایسه با مقادیر گزارش شده ۷/۷۳ و ۱۴/۶۸ گرم در نژادهای سنگسری و مهربان (۲۴ و ۴۴) بیشتر بود که می‌تواند به دلیل تفاوت تعداد رکوردها و اندازه مؤثر جمعیت و دلایل دیگری مانند تفاوت هم‌خونی در گله‌های مورد مطالعه باشد. همچنین مقدار افت ناشی از هم‌خونی صفت وزن شیرگیری نسبت به مقادیر گزارش شده ۲۰/۳، ۳۸، ۳۹، ۶۸ و ۱۰۹/۸ گرم (۳، ۱۴، ۳۳، ۴۲ و ۴۳) در نژادهای بومی لرستان، دورمر، قره گل، مغانی و لری بختیاری کمتر بود که می‌تواند به علت تفاوت در میزان هم‌خونی، تفاوت‌های بین نژادی و روند متفاوت هم‌خونی در جمعیت‌های مورد بررسی باشد.

میزان افت ناشی از هم‌خونی برای صفت وزن شش ماهگی محاسبه شده در این پژوهش نسبت به مقادیر، ۲۶، ۴۸، ۱۱۷، ۱۳۹، ۲۴۷ و ۲۸۳/۶ گرم گزارش شده در نژادهای مغانی، مهربان، قره گل، دورمر، بومی لرستان و لری بختیاری (۳، ۶، ۳۳، ۴۳ و ۴۴) کمتر بود که احتمال دارد ناشی از تفاوت‌های مدیریتی و محیطی در جمعیت-های مورد مطالعه باشد. همچنین نسبت به مقادیر ۱۴/۸۷ و ۱۸ گرم گزارش شده (۱۵ و ۲۴) در نژادهای مغانی، سنگسری و بلوچی بیشتر بود احتمال دارد ناشی از تفاوت تعداد رکوردها و اندازه مؤثر جمعیت باشد.

همچنین برای صفت وزن ۹ ماهگی میزان افت ناشی از هم‌خونی بدست آمده، در مقایسه با مقادیر گزارش شده ۴/۰۹، ۴/۵، ۱۰، ۱۹ و ۲۰/۹۲ گرم در نژادهای مهربان، بومی لرستان، بلوچی، مغانی و سنگسری (۶، ۱۵، ۲۴، ۴۳ و ۴۴) بیشتر و نسبت به مقادیر گزارش شده ۱۵۰، ۱۶۸ و ۱۹۳/۱ گرم در نژادهای درومر، قره گل و لری بختیاری (۳، ۳۳ و ۴۲)،کمتر بود. تفاوت نتایج بدست آمده در این پژوهش با نتایج گزارش شده توسط پژوهشگران مختلف می‌تواند به علت تفاوت در نژاد، مقدار هم‌خونی و روند هم‌خونی در گله‌های تحت مطالعه، اندازه مؤثر جمعیت و تعداد نسل‌های معادل کامل باشد.

علاوه بر این، میزان افت ناشی از هم‌خونی صفت وزن یکسالگی نسبت به مقادیر گزارش شده ۴۲، ۹۸/۶۵، ۱۳۱، ۱۷۸ و ۲۳۴ گرم در نژادهای مغانی، مهربان، بلوچی، دورمر و لری بختیاری (۶، ۱۵، ۲۳، ۴۲ و ۴۴) کمتر بود که می‌تواند ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی یا اختلافات در میزان هم‌خونی و اختلافات بین حیوانات (سن، جنس و تیپ تولد) در جمعیت‌های مورد بررسی باشد. همچنین نسبت به مقادیر ۱۷ و ۲۹/۴۶ گرم گزارش شده (۳ و ۲۴) بیشتر بود که ممکن است علت افت ناشی از هم‌خونی بیشتر مربوط به بالا بودن میزان هموزیگوسیتی و کاهش نقش اثرات ژن‌های غیرافزایشی در میانگین صفات، کاهش درجه شایستگی و افزایش احتمال جفت شدن ژن‌های نامطلوب مغلوب با افزایش هم‌خونی باشد.

با توجه به میزان تأثیر کم افت ناشی از هم‌خونی بر صفات رشد مورد مطالعه که موضوعی مطلوب محسوب می‌شود، پیشنهاد می‌گردد که با وجود پایین بودن نرخ کنونی آمیزش خویشاوندی در این جمعیت، این روند در سال‌های بعدی نیز تداوم یابد.

نتیجه‌گیری

با توجه به تأثیر معنی‌دار هم‌خونی بر برخی از صفات رشد مورد مطالعه و به منظور جلوگیری از افزایش اثرات نامطلوب هم‌خونی، توصیه می‌شود نظارت بر پارامترهای مرتبط با تنوع ژنتیکی این جمعیت به طور مداوم انجام شود تا از کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از افزایش هم‌خونی جلوگیری شود. همچنین لازم است، جهت جلوگیری از افزایش هم‌خونی در این نژاد یک برنامه دقیق کنترلی برای تلاقی حیوانات در نظر گرفته شود تا آمیزش بین افراد خویشاوند به صورت کنترل شده انجام شود.

منابع

1- Almasi, M., A. Rashidi, M. Razmkabir, and M. M. Gholambabaeian. 2015. Estimation of inbreeding coefficient and its effects on livestock survival in different sheep populations. Iranian Journal of Animal Science Research, 7(3): 340-346. (In Persian).

2- Bahreini Behzadi, M. R., and Keshavarzpour, M. 2015. A study on genetic structure of Kermani sheep by using pedigree analysis in the Shahrbabak sheep breeding station. Journal of Livestock Research, 3: 1-10. (In Persian).

3- Bahri Binabaj, F., H. Faraji Arough, M. Rokuei, M. Jafari, and M. R. Sheikhlou. 2015. Estimation of inbreeding depression on growth correlated traits in Karakul lambs. Journal of Ruminant Research, 2(4): 137-156. (In Persian).

4- Barczak, E., A. Wolc, J. Wojtowski, P. Slosarz, and T. Szwaczkowski. 2009. Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep. Journal of Animal and Feed Science, 18: 42-50.

5- Ceyhan, A., A. Kaygisiz, and T. Sezenler. 2011. Effect of inbreeding on pre-weaning growth traits and survival rate on Sakiz sheep. Journal of Animal and Plant Sciences, 21: 1-4.

6- Dorostkar, M., H. Faraji Arough, J. Shodja, S.A. Rafat, M. Rukouei, and H. Esfandyari. 2012. Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. Journal of Agricultural Science and Technology, 14: 549-556.

7- Duncan, D. B. 1955. Multiple ranges and multiple F-test. Biometrics 11: 1-42.

8- Falconer, D. S., and T. F. C Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th Longman Harlow UK. England.

9- Farhangfar, H., H. Naeemipour, and B. Zinvand. 2007. Application of random regression model to estimate genetic parameters for average daily gains in Lori-Bakhtiari sheep breed of Iran. Pakistan Journal of Biology Science, 10: 2407-2412.

10- Farhangfar, H., and G. Mottaghinia. 2013. A Study on the Effect of Inbreeding Depression on Growth Traits in Baluchi Sheep. Research on Animal Production, 4(7): 92-105. (In Persian).

11- Ghafouri Kesbi, F. 2010. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. Journal of Genetic, 89: 479–483.

12- Ghafouri Kesbi, F. 2012. Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. Archives Animal Breeding, 4: 375-384.

13- Ghavi Hossein Zadeh, N. 2015. Genetic analysis of average daily gain and Kleiber ratios in Moghani sheep. Research on Animal Production, 6(11): 108-119. (In Persian).

14- Gholambabaeian, M., A. Rashidi, M. Razmkabir, and E. Mirza Mohammdi. 2012. Estimation of, inbreeding coefficient and its effect on pre-weaning traits in Moghani sheep. 5th Congress on Animal science Isfahan University of Technology. (In Persian).

15- Gholizadeh, M., and F. Ghafouri Kesbi. 2016. Inbreeding depression in growth traits of Baluchi sheep. Small Ruminant Research, 144: 184-190.

16- Jafari, S. 2014. Inbreeding and its effects on body weight, Kleiber ratio, body measurements, Greasy fleece weight and reproductive traits of Makooei sheep breed. Iranian Journal of Applied Animal Science, 4(2): 305-315.

17- Joezy Shekalgorabi, S., A. Maghsoudi, A. Taheri Yeganeh, and B. Rajabi Marand. 2016. Pedigree analysis of Cashmere goat breed of South Khorasan. Italian Journal of Animal Science, 15(4): 590-594.

18- Khaldari, M. 2006. Principles of sheep and goat breeding. Tehran Jahad Daneshgahi Publications. 503 pages. (In Persian).

19- Khojastehkey, M., A. A. Aslaminejad, A. A. Abbasi, and K. Nobari. 2015. Investigation the effect of a threshod trait levels on the accuracy of breeding value estimations and genetic, phenotypic and inbreeding trend in a breeding Flock. Research on Animal Production, 7(14): 173-179. (In Persian).

20- Kosgey, I. S., and A. M. Okeyo. 2007. Genetic improvement of small ruminants in low-input, smallholder production systems: technical and infra-structural issues. Small Ruminant Research, 70: 76–88.
21- Li, M. H., I. Stranden, and Kantanen, J. 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsh sheep breed. Journal of Animal Science, 87: 1598-1605
22- Meyer, K. 2007. Wombat- A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML.
23- Mirza Mohammadi, E., and A. Rashidi. 2012. Estimation of genetic parameters and evaluation of inbreeding effects on birth weight and mortality in Zandi sheep. The 5th Congress on Animal Science, 561-565.
24- Mirzaee Ilaly, M., S. Hassani, M. Ahani Azari, R. Abdullahpour, and S. Naghavian. 2017. Estimation of inbreeding and its effects on growth traits in Sangsari sheep. Iranian Journal of Animal Science Research, 9(1): 135-145. (In Persian).
25- Mohammadi, K., A. Rashidi, M. S. Mokhtari, and M. T. Beigi Nassiri. 2011. The estimation of (co)variance components for growth traits and Kleiber ratios in Zandi sheep. Small Ruminant Research, 99: 116-121.
26- Mokhtari, M. S., M. Moradi Shahrbabak, A. K. Esmailizadeh, R. Abdollahi Arpanahi, and J. P. Gutierrez. 2014. Pedigree analysis of Iran Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. Small Ruminant Research, 116: 14–20.
27- Mokhtari, M. S., S. R. Miraei Ashtiani, M. Jafaroghli, and J. P. Gutiérrez. 2015. Studying genetic diversity in Moghani sheep using pedigree analysis. Journal of Agricultural Science and Technology, 17: 1151-1160.
28- Mokhtari, M. S., M. Moghbeli Damaneh, and J. P. Gutierrez. 2017. Genetic variability and population structure of Raeini Cashmere goats determined by pedigree analysis. Journal of Livestock Science and Technologies, 5(1): 43-50.
29- Mottaghinia, G., H. Farhangfar, and M. Janati. 2009. A study of inbreeding trend and its effect on wool weight of Baluchi sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad. Animal Science Researches, 22(2): 129-121.
30- Naghavian, S., S. Hasani, M. Ahani Azari, A. R. Khanahmadi, D. A. Saghi, and N. B. Mamizadeh. 2014. Genetic diversity in Shirvan Kordi sheep using microsatellite markers and compared to estimation of inbreeding coefficient using pedigree. Iranian Journal of Animal Science Research, 24(1): 93-105. (In Persian).
31- Norberg, E. and A. C. Sørensen. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. Journal of Animal Science, 85: 299-257.
32- Pedrosa, V. B., J. R. M. L. Santana, P. S. Oliverira, J. P. Eler, and J. B. S. Ferraz. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. Small Ruminant Research, 93: 135-139.
33- Rashedi Dehsahraei, A., J. Fayazi, and M. Vatankhah. 2013. Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. Journal of Ruminant Research, 1(3): 65-78. (In Persian).
34- Rashidi, A., M. S. Mokhtari, and J. P. Gutierrez. 2015. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. Small Ruminant Research, 124: 1-83.
35- Rzewuska, K., J. Klewiec, and E. Martyniuk. 2005. A closed flock of Booroola sheep. Journal of Animal Reproduction Science, 23: 237-247.
36- Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J. Jacques Colleau. 2006. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity.
37- Savar Sofla, S., M. A. Abbasi, A. Nejati Javari, R. Vaez Tarshizi, and M. Chamani. 2011. Estimation of parameters and genetic and phenotypic trends of reproductive traits in Moghani sheep. Journal of Animal Science and Research, 6: 75-86. (In Persian).
38- Sheikhlou, M. R., M. Tahmourstpor, and A. A. Slamy Nejad. 2012. Investigate of inbreeding of Baluchi sheep at Abbas Abad breeding center in Mashhad. Iranian Journal of Animal Science Research, 3(4): 453-458. (In Persian).

39- Sheikhlou, M. R., M. Tahmoorespur, and A. A. Aslamy Nejad. 2013. Study of genetic variability of breeding flock of Makooyi sheep using pedigree analysis. 1th National Conference on Livestock and Poultry Production in Northern Iran, Sari, Iran. 1116-1120. (In Persian).
40- Sheikhlou. M. R., M. Ahmadi, and M. Shahhoseini. 2017. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Sangsari sheep. Journal of Research in Agriculture and Animal Science, 4(10): 1-7.
41- Tahmoorespur, M., and M. R. Sheikhlou. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. Small Ruminant Research, 99: 1–6.
42- Van Wyk, J. B., M. D. Fair, and S. W. P. Cloete. 2009. Case Study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Donner sheep stud. Livestock Science, 120: 218-224.
43- Yeganehpor, Z., H. A. Roshan Fekr, J. Fayazi. M. H. Biran Vand, and M. Gader Zadeh. 2015. Study the structure of the tree and drop effects of inbreeding on growth traits the native sheep province. Iranian Journal of Animal Science Research, 7(2): 199-207. (In Persian).
44- Yavarifard, R., N. Ghavi Hossein Zadeh, and A. A. Shadparvar. 2014. Population genetic structure analysis and effect of inbreeding on body weights at different ages in Iranian Mehraban sheep. Journal of Animal Science and Technology, 56(1): 31-40.

Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 11, No. 2, Summer 2019, p. 207-221

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۱، شماره۲، تابستان ۱۳۹۸، ص.۲۲۱-۲۰۷

Inbreeding Investigation and its Effects on Growth Traits of Moghani Sheep Breed Using Pedigree

R. Behmaram[1*]- M. Esrafili Tazeh Kand Mohammadiyeh[2]

Received: 21-12-2017
Accepted: 10-04-2018

Introduction Moghani sheep breed with 2.5 million numbers is one the most important meat breeds among fatty tail sheep. The main center for keeping this breed is Moghan plain, but there is in the regions like Meshkin Shahr, Sarab, Ardabil and the other provinces. Inbreeding also impairs growth, production, health, reproduction and survival of inbred animals. A complete pedigree is also necessary for an accurate evaluation of inbreeding and other important population parameters. This research was done for pedigree analysis, estimation of inbreeding coefficient and investigation of its effect on growth traits by regarding to importance of growth traits in economic benefit of sheep farming.

Materials and Methods Information of pedigree and growth traits (birth weight, weaning weight, 6 months weight, 9 months weight and 1 yearling weight) of available animals at breeding station of Moghani sheep were used for calculating of inbreeding and survey of its effects on growth traits of Moghani sheep. In this study, 16058 records of birth weight, 2145 weaning weight records, 2028 6 months weight records, 1319 records of 9 months weight and 1232 1 yearling weight records that were collected in 30 years (between 1987 to 2016) were used. For data preparation and editing and estimation of inbreeding coefficient Excel, Fox Pro and CFC soft wares were used respectively. For inbreeding effect analysis on related traits Wombat software and Restricted maximum likelihood method by using 12 animal models and considering of inbreeding in model as a covariate was used. The most appropriate model according to Akaike Criterion was selected. The statistical analysis of data was done by using of Duncan means test and GLM procedure of SAS 9.2 software.

Results and Discussion In this research 48.30 % of animals have known sire and dam. The number of records of studied growth traits with age increasing had downward trend that may cause to elimination of some lambs or not registering of data in higher ages. For all of the traits, most of the animals had zero inbreeding coefficient, so that 83.31 % of population had zero inbreeding coefficient. 13.50 % of all population that is equivalent with 80.89 % of inbred population had inbreeding coefficient less than 5 %. In studied population, only 3.19 % of all population that is equivalent by 19.11 % of inbred population had inbreeding coefficient more than 5 %. Generation interval in four pathway including sire-son, sire-daughter, dam-son and dam-daughter was calculated 3.15 ± 0.053, 3.26 ± 0.093, 3.46 ± 0.015 and 3.57 ± 0.036 years respectively. Average generation interval of dam-progeny (3.51 ± 0.007 years) rather than sire-progeny (3.21 ± 0.064 years) was more. The shorter generation interval in sire-progeny pathway may be related to difference in replacement age of males and females. In other words, sooner replacement of males in studied herd might be one of reasons for shorter generation interval in sire-progeny pathway. The

1,2- Assistant Professor and Former MSc. student, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Department of Animal Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran.
(*-Corresponding Author Email: behmaram.reza@yahoo.ca)

average generation interval was estimated 3.36 ± 0.069 years. In all of traits, the non inbreds had more average compare with inbreeds. In this study, male lambs in all traits had more average compare with female lambs that showed effects of sex on growth traits of Moghani lambs. The traits average of single lambs was more than twin lambs that may be related to more utilization of these lambs of maternal abilities. The results showed that 16.69 % of all population were inbred. The average of total population inbreeding coefficient was estimated 0.58 % that was in reported results range for this breed in other researches. The average inbreeding coefficient in inbred population and the highest inbreeding amount in herd was 3.47 and 44.67 % respectively. By evaluation of studied population form current generation to primary generation, decreasing trend in animals' number was observed that may be related to a greater number of animals with known parents in current generation. The effective number of population was estimated 177.37. With reducing of effective number in population, the amount of inbreeding will increase. The increasing amount of inbreeding was 0.047 % in each year that was not significant. The inbreeding trend in studied years was positive and ascending with low swings. Average equivalent complete generations as a scale of pedigree completeness estimated 1.60. The low amount of equivalent complete generations can be related to incomplete and low depth of pedigree. The low effective number of population resulted in decreasing of genetic variation. Inbreeding depression for 1 % inbreeding for birth weight, weaning weight, 6 months weight, 9 months weight and 1 yearling weight were estimated 5.94, 19.03, 20.23, 35.26 and 38.74 gram that except 6 months weight and 1 yearling weight had not significant effect on the other traits. Having not a significant effect of inbreeding on birth weight, weaning weight and 9 months weight may cause to low level of inbreeding in herd and the low existence of dominance at controller genets of these traits. Regarding to the little effect of inbreeding depression on studied traits that is an optimal subject, it can be suggested by being low rate of inbreeding in this population, this trend persist in future years.

Conclusion By regarding the significant effect of inbreeding on some growth traits and for prevention of undesirable effects of inbreeding, it can be recommended an ongoing supervision be done on related parameters to genetic variation at this population to Reduce the genetic diversity caused by increased inbreeding.

Keywords: Equivalent complete generation, Growth traits, Inbreeding, Mating, Moghani sheep.